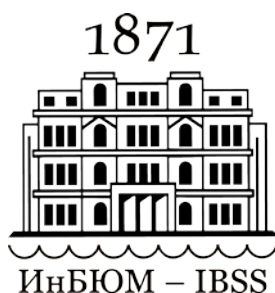


Межрегиональная общественная организация  
«Паразитологическое общество» Российской академии наук  
Институт биологии южных морей им А. О. Ковалевского РАН  
Зоологический институт РАН  
Российский фонд фундаментальных исследований

---



# **ШКОЛА по теоретической и морской ПАРАЗИТОЛОГИИ**

**VII Всероссийская  
конференция с международным участием**

9–14 сентября 2019, г. Севастополь

*Тезисы докладов*

Севастополь  
2019

УДК 576.895.132:597.556.333.7(262.5)

## **К видовому определению представителей рода *Contracaecum* от черноморского бычка – кругляка *Neogobius melanostomus* (Крым)**

**Пронькина Н. В.<sup>1</sup>, Спиридонов С. Э.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>ФИЦ «Институт биологии южных морей им. А.О. Ковалевского РАН»,

г. Севастополь, Россия; natalya-pronkina@yandex.ru

<sup>2</sup>Институт проблем экологии и эволюции им А. Н. Северцова, г. Москва, Россия

Род *Contracaecum* Railliet & Henry, 1912 – один из самых больших в семействе Anisakidae. К сожалению, личинки описаны не от всех видов и часто существующие описания неполные, что затрудняет дифференциацию видов и приводит к ошибкам в их идентификации. Дальнейшие исследования в этом направлении требуют использования молекулярно-генетических методов для уточнения видовой принадлежности неполовозрелых нематод.

Для определения нематод *Contracaecum* sp. от бычка–кругляка *Neogobius melanostomus* (Pallas, 1814) из акватории природного заповедника «Лебяжий острова» (Черное море у западного побережья Крыма) были получены последовательности двух участков рибосомальных повторов, т.н. транскрибируемых спейсеров (ITS rDNA), и D2D3 сегмент гена большой рибосомной субъединицы (D2D3 LSU rDNA). Первую последовательность получали с помощью пары праймеров TTG ATT ACG TCC CTG CCC TTT и ATA TGC TTA AGT TCA GCG GGT (темп. отжига 52 °C, 35 сек.), вторую – с помощью праймеров ACA AGT ACC GTG AGG GAA AGT TG и TCG GAA GGA ACC AGC TAC TA (темп. отжига 50°C, 60 сек.). Поиск сходных последовательностей проводили с помощью алгоритма BLAST. Выравнивание для сравниваемых последовательностей получали в ClustalX, после чего анализировали с помощью MEGA 7.0.14 (Kumar et al., 2016).

Полученная нами последовательность ITS rDNA оказалась на 100 % идентичной депонированным в ГенБанке NCBI последовательностям *C. rudolphii* Hartwich, 1964 из Италии (EU678869) и Польши (AY603535). D2D3 LSU rDNA последовательность от черноморских нематод оказалась на 100 % идентичной последовательности *C. rudolphii* изолятов '371\_N' (KT767121) и 'A' (AF226585).

Работа выполнена в рамках госзадания №АААА-А18-118020890074-2 и гранта РНФ №19-74-20147.

## **To the species identification of the representatives of the genus *Contracaecum* from the Black Sea round goby *Neogobius melanostomus* (Crimea)**

**Pronkina N. V.<sup>1</sup>, Spiridonov S. E.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>A. O. Kovalevsky Institute of Biology of the Southern Seas RAS, Sevastopol, Russia;

natalya-pronkina@yandex.ru

<sup>2</sup>A. N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution, RAS, Moscow, Russia

The sequences of two parts of ribosomal loci, namely transcribed spacer sequence (ITS rDNA) and D2D3 segment of a large ribosome sequence (D2D3 LSU rDNA) of the *Contracaecum* juveniles, which were obtained from the Black Sea round goby *Neogobius melanostomus* (Pallas, 1814), support their identification as *Contracaecum rudolphii* A.